10/506,670

WEST Search History

Hide Items | Restore | Clear | Cancel

DATE: Monday, November 12, 2007

Hide?	Set Name	Query	Hit Count
		DB=PGPB,USPT,USOC,EPAB,JPAB,DWPI; PLUR=YES; OP=ADJ	
☐	L9	L4 and (scheel or schulze or rosahl or landtug).in.	3
☐	L8	L4 and lipka.in.	3
☐	L7	L6 and 800/279.ccls.	2
☐	L6	l4 same l5	10
☐	L5	(pathogen or disease) near3 (resistance or resistant or tolerance or tolerant)	37685
☐	L4	(beta adj2 glucosidase) near3 (gene or nucleic or DNA or polynucleotide or sequence or protein or polypeptide)	345
		DB=USPT; PLUR=YES; OP=ADJ	
☐	L3	L2 and glucosidase	1
☐	L2	L1 and (disease or pathogen) near3 (resistance or tolerance)	1
☐	L1	7109033	1

END OF SEARCH HISTORY

<!--StartFragment-->ALIGNMENTS

RESULT 1
US-09-938-842A-54
; Sequence 54, Application US/09938842A
; Patent No. 7109033
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Harper, Jeff
; APPLICANT: Kreps, Joel
; APPLICANT: Wang, Xun
; APPLICANT: Zhu, Tong
; TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
; TITLE OF INVENTION: SAME, AND METHODS OF USE
; FILE REFERENCE: SCRIP1300-3
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/938,842A
; CURRENT FILING DATE: 2001-08-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227,866
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264,647
; PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300,111
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
; SEQ ID NO 54
; LENGTH: 1683
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Arabidopsis thaliana
US-09-938-842A-54

Query Match 100.0%; Score 1683; DB 5; Length 1683;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 1683; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy          1 ATGGCACATCTTCAAAGAACATTTCCTACTGAGATGTCAAAAGGTAGAGCTAGCTTTCCA 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGGCACATCTTCAAAGAACATTTCCTACTGAGATGTCAAAAGGTAGAGCTAGCTTTCCA 60

Qy         61 AAAGGCTTTCTCTTTGGAACTGCTTCATCTTCTTATCAGTACGAAGGAGCAGTGAATGAA 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AAAGGCTTTCTCTTTGGAACTGCTTCATCTTCTTATCAGTACGAAGGAGCAGTGAATGAA 120

Qy        121 GGTGCGAGAGGACAAAGCGTGTGGGATCATTTCTCCAACAGGTTTCCTCACAGAATCAGT 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GGTGCGAGAGGACAAAGCGTGTGGGATCATTTCTCCAACAGGTTTCCTCACAGAATCAGT 180

Qy        181 GATTCTAGCGACGGAAACGTTGCCGTTGATTTCTACCATCGTTACAAGGAAGATATTAAG 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATTCTAGCGACGGAAACGTTGCCGTTGATTTCTACCATCGTTACAAGGAAGATATTAAG 240

Qy        241 AGAATGAAGGATATAAACATGGATTCGTTTCGGCTTTCCATTGCTTGGCCACGAGTTCTA 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AGAATGAAGGATATAAACATGGATTCGTTTCGGCTTTCCATTGCTTGGCCACGAGTTCTA 300
```

```
Qy        301 CCTTATGGCAAAAGGGATAGAGGAGTTAGTGAAGAAGGAATTAAGTTTTACAATGATGTT 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCTTATGGCAAAAGGGATAGAGGAGTTAGTGAAGAAGGAATTAAGTTTTACAATGATGTT 360

Qy        361 ATTGATGAACTCTTAGCCAATGAAATCACTCCTCTTGTTACTATCTTTCATTGGGACATA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 ATTGATGAACTCTTAGCCAATGAAATCACTCCTCTTGTTACTATCTTTCATTGGGACATA 420

Qy        421 CCACAGGATCTTGAAGATGAATACGGCGGTTTTCTAAGCGAGCAGATTATAGATGACTTC 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCACAGGATCTTGAAGATGAATACGGCGGTTTTCTAAGCGAGCAGATTATAGATGACTTC 480

Qy        481 AGAGACTATGCGAGTCTCTGCTTCGAGAGATTTGGGGACAGAGTGAGTCTGTGGTGCACA 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 AGAGACTATGCGAGTCTCTGCTTCGAGAGATTTGGGGACAGAGTGAGTCTGTGGTGCACA 540

Qy        541 ATGAATGAGCCGTGGGTCTACAGTGTCGCGGGCTATGACACAGGAAGGAAAGCGCCAGGA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ATGAATGAGCCGTGGGTCTACAGTGTCGCGGGCTATGACACAGGAAGGAAAGCGCCAGGA 600

Qy        601 CGGTGCTCCAAGTATGTTAATGGCGCTAGTGTTGCTGGAATGTCGGGATACGAGGCATAT 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGTGCTCCAAGTATGTTAATGGCGCTAGTGTTGCTGGAATGTCGGGATACGAGGCATAT 660

Qy        661 ATTGTGAGCCATAACATGCTTCTAGCGCACGCAGAAGCAGTGGAAGTGTTTAGAAAATGT 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 ATTGTGAGCCATAACATGCTTCTAGCGCACGCAGAAGCAGTGGAAGTGTTTAGAAAATGT 720

Qy        721 GACCATATTAAAAACGGACAAATTGGGATTGCGCATAATCCACTTTGGTACGAGCCATAT 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GACCATATTAAAAACGGACAAATTGGGATTGCGCATAATCCACTTTGGTACGAGCCATAT 780

Qy        781 GATCCGAGTGATCCAGATGATGTCGAAGGATGTAATCGAGCTATGGACTTCATGCTTGGT 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GATCCGAGTGATCCAGATGATGTCGAAGGATGTAATCGAGCTATGGACTTCATGCTTGGT 840

Qy        841 TGGCATCAGCATCCGACTGCTTGTGGAGACTATCCAGAAACGATGAAGAAATCAGTTGGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 TGGCATCAGCATCCGACTGCTTGTGGAGACTATCCAGAAACGATGAAGAAATCAGTTGGA 900

Qy        901 GATAGATTACCGAGTTTTACACCAGAACAATCTAAGAAACTTATAGGCTCTTGCGATTAC 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 GATAGATTACCGAGTTTTACACCAGAACAATCTAAGAAACTTATAGGCTCTTGCGATTAC 960

Qy        961 GTTGGTATAAACTACTATAGCTCGCTTTTCGTGAAGAGTATCAAACACGTGGATCCTACG 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GTTGGTATAAACTACTATAGCTCGCTTTTCGTGAAGAGTATCAAACACGTGGATCCTACG 1020

Qy       1021 CAACCTACTTGGAGAACTGACCAAGGCGTTGATTGGATGAAAACCAACATAGATGGGAAA 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CAACCTACTTGGAGAACTGACCAAGGCGTTGATTGGATGAAAACCAACATAGATGGGAAA 1080
```

```
Qy       1081 CAAATAGCAAAACAAGGAGGATCAGAGTGGAGTTTCACATATCCAACAGGACTCAGAAAC 1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CAAATAGCAAAACAAGGAGGATCAGAGTGGAGTTTCACATATCCAACAGGACTCAGAAAC 1140

Qy       1141 ATTTTGAAGTATGTGAAAAAAACTTATGGCAATCCTCCCATTCTCATAACTGAAAACGGG 1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 ATTTTGAAGTATGTGAAAAAAACTTATGGCAATCCTCCCATTCTCATAACTGAAAACGGG 1200

Qy       1201 TATGGTGAAGTAGCGGAACAGAGTCAGAGTCTTTATATGTACAATCCTTCAATCGACACA 1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 TATGGTGAAGTAGCGGAACAGAGTCAGAGTCTTTATATGTACAATCCTTCAATCGACACA 1260

Qy       1261 GAGAGATTGGAGTACATTGAAGGACATATCCACGCTATTCATCAAGCCATCCATGAAGAT 1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GAGAGATTGGAGTACATTGAAGGACATATCCACGCTATTCATCAAGCCATCCATGAAGAT 1320

Qy       1321 GGAGTAAGAGTGGAAGGTTATTACGTATGGTCATTGCTAGATAACTTCGAGTGGAACAGT 1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GGAGTAAGAGTGGAAGGTTATTACGTATGGTCATTGCTAGATAACTTCGAGTGGAACAGT 1380

Qy       1381 GGATATGGTGTGAGATATGGTTTATATTACATTGATTACAAAGATGGGCTTAGACGATAC 1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GGATATGGTGTGAGATATGGTTTATATTACATTGATTACAAAGATGGGCTTAGACGATAC 1440

Qy       1441 CCGAAAATGTCGGCGTTATGGTTGAAAGAGTTCTTGAGGTTTGATCAAGAAGACGATTCT 1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CCGAAAATGTCGGCGTTATGGTTGAAAGAGTTCTTGAGGTTTGATCAAGAAGACGATTCT 1500

Qy       1501 TCGACGTCTAAGAAAGAAGAGAAGAAAGAGAGCTATGGAAAACAGTTATTGCATTCTGTT 1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TCGACGTCTAAGAAAGAAGAGAAGAAAGAGAGCTATGGAAAACAGTTATTGCATTCTGTT 1560

Qy       1561 CAGGACAGTCAATTTGTTCATTCGATTAAAGACAGTGGTGCGTTACCTGCGGTTTTGGGG 1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CAGGACAGTCAATTTGTTCATTCGATTAAAGACAGTGGTGCGTTACCTGCGGTTTTGGGG 1620

Qy       1621 AGCTTGTTCGTTGTGTCTGCAACTGTTGGTACTTCTCTGTTCTTCAAAGGAGCTAATAAT 1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 AGCTTGTTCGTTGTGTCTGCAACTGTTGGTACTTCTCTGTTCTTCAAAGGAGCTAATAAT 1680

Qy       1681 TGA 1683
             |||
Db       1681 TGA 1683
```

<!--EndFragment-->

<!--StartFragment-->RESULT 1
US-09-938-842A-54
; Sequence 54, Application US/09938842A
; Patent No. 7109033
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Harper, Jeff
; APPLICANT: Kreps, Joel
; APPLICANT: Wang, Xun
; APPLICANT: Zhu, Tong
; TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
; TITLE OF INVENTION: SAME, AND METHODS OF USE
; FILE REFERENCE: SCRIP1300-3
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/938,842A
; CURRENT FILING DATE: 2001-08-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227,866
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264,647
; PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300,111
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
; SEQ ID NO 54
; LENGTH: 1683
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Arabidopsis thaliana
US-09-938-842A-54

Alignment Scores:

Pred. No.:	0	Length:	1683
Score:	3039.00	Matches:	560
Percent Similarity:	100.0%	Conservative:	0
Best Local Similarity:	100.0%	Mismatches:	0
Query Match:	100.0%	Indels:	0
DB:	5	Gaps:	0

US-10-506-670A-2 (1-560) x US-09-938-842A-54 (1-1683)

```
Qy          1 MetAlaHisLeuGlnArgThrPheProThrGluMetSerLysGlyArgAlaSerPhePro 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGGCACATCTTCAAAGAACATTTCCTACTGAGATGTCAAAAGGTAGAGCTAGCTTTCCA 60

Qy         21 LysGlyPheLeuPheGlyThrAlaSerSerSerTyrGlnTyrGluGlyAlaValAsnGlu 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AAAGGCTTTCTCTTTGGAACTGCTTCATCTTCTTATCAGTACGAAGGAGCAGTGAATGAA 120

Qy         41 GlyAlaArgGlyGlnSerValTrpAspHisPheSerAsnArgPheProHisArgIleSer 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GGTGCGAGAGGACAAAGCGTGTGGGATCATTTCTCCAACAGGTTTCCTCACAGAATCAGT 180

Qy         61 AspSerSerAspGlyAsnValAlaValAspPheTyrHisArgTyrLysGluAspIleLys 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATTCTAGCGACGGAAACGTTGCCGTTGATTTCTACCATCGTTACAAGGAAGATATTAAG 240
```

```
Qy        81 ArgMetLysAspIleAsnMetAspSerPheArgLeuSerIleAlaTrpProArgValLeu 100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       241 AGAATGAAGGATATAAACATGGATTCGTTTCGGCTTTCCATTGCTTGGCCACGAGTTCTA 300

Qy       101 ProTyrGlyLysArgAspArgGlyValSerGluGluGlyIleLysPheTyrAsnAspVal 120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       301 CCTTATGGCAAAAGGGATAGAGGAGTTAGTGAAGAAGGAATTAAGTTTTACAATGATGTT 360

Qy       121 IleAspGluLeuLeuAlaAsnGluIleThrProLeuValThrIlePheHisTrpAspIle 140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       361 ATTGATGAACTCTTAGCCAATGAAATCACTCCTCTTGTTACTATCTTTCATTGGGACATA 420

Qy       141 ProGlnAspLeuGluAspGluTyrGlyGlyPheLeuSerGluGlnIleIleAspAspPhe 160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       421 CCACAGGATCTTGAAGATGAATACGGCGGTTTTCTAAGCGAGCAGATTATAGATGACTTC 480

Qy       161 ArgAspTyrAlaSerLeuCysPheGluArgPheGlyAspArgValSerLeuTrpCysThr 180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       481 AGAGACTATGCGAGTCTCTGCTTCGAGAGATTTGGGGACAGAGTGAGTCTGTGGTGCACA 540

Qy       181 MetAsnGluProTrpValTyrSerValAlaGlyTyrAspThrGlyArgLysAlaProGly 200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       541 ATGAATGAGCCGTGGGTCTACAGTGTCGCGGGCTATGACACAGGAAGGAAAGCGCCAGGA 600

Qy       201 ArgCysSerLysTyrValAsnGlyAlaSerValAlaGlyMetSerGlyTyrGluAlaTyr 220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       601 CGGTGCTCCAAGTATGTTAATGGCGCTAGTGTTGCTGGAATGTCGGGATACGAGGCATAT 660

Qy       221 IleValSerHisAsnMetLeuLeuAlaHisAlaGluAlaValGluValPheArgLysCys 240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       661 ATTGTGAGCCATAACATGCTTCTAGCGCACGCAGAAGCAGTGGAAGTGTTTAGAAAATGT 720

Qy       241 AspHisIleLysAsnGlyGlnIleGlyIleAlaHisAsnProLeuTrpTyrGluProTyr 260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       721 GACCATATTAAAAACGGACAAATTGGGATTGCGCATAATCCACTTTGGTACGAGCCATAT 780

Qy       261 AspProSerAspProAspAspValGluGlyCysAsnArgAlaMetAspPheMetLeuGly 280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       781 GATCCGAGTGATCCAGATGATGTCGAAGGATGTAATCGAGCTATGGACTTCATGCTTGGT 840

Qy       281 TrpHisGlnHisProThrAlaCysGlyAspTyrProGluThrMetLysLysSerValGly 300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       841 TGGCATCAGCATCCGACTGCTTGTGGAGACTATCCAGAAACGATGAAGAAATCAGTTGGA 900

Qy       301 AspArgLeuProSerPheThrProGluGlnSerLysLysLeuIleGlySerCysAspTyr 320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       901 GATAGATTACCGAGTTTTACACCAGAACAATCTAAGAAACTTATAGGCTCTTGCGATTAC 960

Qy       321 ValGlyIleAsnTyrTyrSerSerLeuPheValLysSerIleLysHisValAspProThr 340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       961 GTTGGTATAAACTACTATAGCTCGCTTTTCGTGAAGAGTATCAAACACGTGGATCCTACG 1020

Qy       341 GlnProThrTrpArgThrAspGlnGlyValAspTrpMetLysThrAsnIleAspGlyLys 360
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021  CAACCTACTTGGAGAACTGACCAAGGCGTTGATTGGATGAAAACCAACATAGATGGGAAA 1080

Qy         361  GlnIleAlaLysGlnGlyGlySerGluTrpSerPheThrTyrProThrGlyLeuArgAsn 380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1081  CAAATAGCAAAACAAGGAGGATCAGAGTGGAGTTTCACATATCCAACAGGACTCAGAAAC 1140

Qy         381  IleLeuLysTyrValLysLysThrTyrGlyAsnProProIleLeuIleThrGluAsnGly 400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1141  ATTTTGAAGTATGTGAAAAAAACTTATGGCAATCCTCCCATTCTCATAACTGAAAACGGG 1200

Qy         401  TyrGlyGluValAlaGluGlnSerGlnSerLeuTyrMetTyrAsnProSerIleAspThr 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1201  TATGGTGAAGTAGCGGAACAGAGTCAGAGTCTTTATATGTACAATCCTTCAATCGACACA 1260

Qy         421  GluArgLeuGluTyrIleGluGlyHisIleHisAlaIleHisGlnAlaIleHisGluAsp 440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1261  GAGAGATTGGAGTACATTGAAGGACATATCCACGCTATTCATCAAGCCATCCATGAAGAT 1320

Qy         441  GlyValArgValGluGlyTyrTyrValTrpSerLeuLeuAspAsnPheGluTrpAsnSer 460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1321  GGAGTAAGAGTGGAAGGTTATTACGTATGGTCATTGCTAGATAACTTCGAGTGGAACAGT 1380

Qy         461  GlyTyrGlyValArgTyrGlyLeuTyrTyrIleAspTyrLysAspGlyLeuArgArgTyr 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1381  GGATATGGTGTGAGATATGGTTTATATTACATTGATTACAAAGATGGGCTTAGACGATAC 1440

Qy         481  ProLysMetSerAlaLeuTrpLeuLysGluPheLeuArgPheAspGlnGluAspAspSer 500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1441  CCGAAAATGTCGGCGTTATGGTTGAAAGAGTTCTTGAGGTTTGATCAAGAAGACGATTCT 1500

Qy         501  SerThrSerLysLysGluGluLysLysGluSerTyrGlyLysGlnLeuLeuHisSerVal 520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1501  TCGACGTCTAAGAAAGAAGAGAAGAAAGAGAGCTATGGAAAACAGTTATTGCATTCTGTT 1560

Qy         521  GlnAspSerGlnPheValHisSerIleLysAspSerGlyAlaLeuProAlaValLeuGly 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1561  CAGGACAGTCAATTTGTTCATTCGATTAAAGACAGTGGTGCGTTACCTGCGGTTTTGGGG 1620

Qy         541  SerLeuPheValValSerAlaThrValGlyThrSerLeuPhePheLysGlyAlaAsnAsn 560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1621  AGCTTGTTCGTTGTGTCTGCAACTGTTGGTACTTCTCTGTTCTTCAAAGGAGCTAATAAT 1680
```

<!--EndFragment-->